VISIT…

LANZAROTE
Caliente.com

ГЕНОМ ЧЕЛОВЕКА: ВЗГЛЯД КРЕАЦИОНИСТА

Тодд Чарльз Вуд,

доктор философии,доцент Центра исследований происхождения жизни

(Брайан-колледж, Теннесси)

Расшифровка последовательности генов, составляющих геном человека, настолько же значима для молекулярной биологии, насколько для космонавтики – высадка человека на Луну. Ее проект начали обсуждать еще в 1985 году, а в 1990 году международный консорциум лабораторий официально приступил к разрешению этой задачи. Окончание работ было намечено на 2005 год. Изначально в проекте «Геном человека» принимали участие США, Великобритания, Франция и Япония; впоследствии в работу включились Китай и Германия. Однако через некоторое время частная компания Крэйга Вентера «Celera Corporation» заявила о желании самостоятельно провести расшифровку генома и опубликовать результаты своих работ всего за три года. Вентер сдержал обещание, и в феврале 2001 года «черновой вариант» последовательности генов в геноме человека, полученный корпорацией «Celera», был опубликован в журнале *«Science»*.[1] На той же неделе в журнале *«Nature»*[2] был опубликован «черновик» последовательности генов, полученный учеными в проекте «Геном человека», проводившемся под эгидой государства. Обе эти схемы – лишь «эскизы», требующие существенной доработки. Только когда удастся правильно расположить фрагменты цепи и заполнить имеющиеся в ней пробелы, перед нами предстанет окончательный результат – полная последовательность генов в геноме человека.

Некоторые читатели, вероятно, спросят, что именно называют термином «геном». К сожалению, на этот вопрос не так-то просто ответить. По самому простому определению, геном – это вся ДНК, содержащаяся в данной клетке. ДНК же – это полимерное химическое соединение, состоящее из длинных цепочек азотистых оснований (нуклеотидов). Из множества нуклеотидов при этом образуются гены, кодирующие различные признаки организма. Это – представление о геноме как «матрице» или «энциклопедии» жизни, в том смысле, что именно на основе генома происходит формирование организма. Однако упрощенное понимание этого процесса порождает у многих впечатление, будто жизнь – всего лишь продукт реализации программ ДНК. Я, будучи креационистом, не могу согласиться со столь поверхностной точкой зрения. В первой главе Книги Бытия сказано, что Бог создал живые организмы полностью сформированными, так что геном, скорее, представляет собой хранилище информации, обеспечивающей возобновление организма в его зрелом, совершенном состоянии. Исходя из того, какое значение придает Бог этому состоянию, я бы предположил, что именно строение и жизнедеятельность организма *взрослого* человека определяют изначальное содержание человеческого генома.

В популярной прессе весьма распространено крайне поверхностное мнение о геноме как источнике жизни. Биологи хорошо понимают ограниченность такого взгляда, а подразделения правительства США, выделяющие средства на изучение генома, уже говорят о применении генетической информации в наступающей «постгеномной эре». На самом же деле геном следует сравнивать скорее с книгой или

типографской матрицей. И книги, и типографские матрицы предназначены для сохранения информации, однако сами по себе инертны и бездеятельны; необходим кто-то, кто сможет прочитать их и принять их содержание как руководство к действию. И хотя геном не может всецело предопределить, каким будет организм, он, безусловно, представляет собой важное хранилище кодированной информации, необходимой для воссоздания человеческого организма и его жизнедеятельности.

Геном человека состоит из 22 пар хромосом, называемых аутосомами, и двух особых хромосом (X и Y), называемых половыми хромосомами. Каждая хромосома представляет собой единый массив ДНК, размеры которого у человека составляют приблизительно от 45 миллионов до 279 миллионов азотистых оснований.[3] Что касается массы, то самая маленькая аутосома (21-я хромосома)[4] весит в 53,5 миллиона раз больше молекулы сахара (глюкозы). ДНК содержит азотистые основания четырех видов: аденин, цитозин, гуанин и тимин; чередование этих нуклеотидов в особой *последовательности* и заключает в себе информацию, которую несут наши гены. ДНК хромосомы может быть уложена в виде крупных, периодически повторяющихся структур (такой вид структуры называется гетерохроматин), а может располагаться в виде сложных цепей разнообразной структуры; это – эухроматин. Из гетерохроматина сложены центромеры (внутренние «перетяжки») и теломеры («головки» на концах хромосом), а также особые утолщения. Гены в основном располагаются в эухроматических участках хромосом. Из-за методических сложностей верно установить последовательность нуклеотидов в гетерохроматине весьма сложно; в эухроматине же «прочесть» генетический код сравнительно легко.

Геном человека в версии корпорации «Celera» насчитывает 2,91 миллиарда нуклеотидов эухроматина, а в версии проекта «Геном человека» – 2,69 миллиарда. Это самый длинный геном из всех полностью расшифрованных последовательностей. В геноме мушки дрозофилы, занимающем второе место, – 120 миллионов нуклеотидов эухроматина, что составляет всего 4% от размеров генома человека.[5] Ученые из корпорации «Celera» и проекта «Геном человека» с высокой достоверностью определили расположение и направление всех прилегающих друг к другу участков последовательности ДНК и составили генетические и физические карты хромосом. Однако легко ошибиться в оценке объема генома человека. У человека в 25 раз больше ДНК, чем у мухи, вовсе не потому, что он намного превосходит ее по размерам и имеет более сложное строение. Количество ДНК в геноме никак не соотносится со сложностью биологического устройства. Например, геном одноклеточной инфузории-туфельки *Paramecium caudatum* насчитывает 8,6 миллиардов азотистых оснований, т.е. более чем в два раза больше, нежели геном человека. Один из самых больших известных геномов принадлежит одноклеточной *Amoeba dubia* – в нем 670 миллиардов нуклеотидов. В то же время геномы сложных многоклеточных организмов, таких как курица, значительно меньше, чем геном человека.[6]

Одна из наиболее поразительных особенностей генома человека заключается в том, что нам практически неизвестно его содержание. Ученые из корпорации «Celera», используя точнейшие приборы и компьютерный анализ, распознали 26500 генов человека и предсказали местонахождение еще 13000. Ученые из проекта «Геном человека» с помощью других методов предсказали наличие у человека всего 31778 генов. Принимая во внимание сходство обоих прогнозов, можно сказать, что геном человека содержит от 30 до 40 тысяч генов. Точно определить общее число генов в настоящее время невозможно из-за сложности их структуры. Содержащие информацию нуклеотидные после-

довательности 39000 генов, существование которых предсказано корпорацией «Celera», составляют лишь 1,1% от общего количества азотистых оснований (2,91 миллиарда), а по оценкам проекта «Геном человека», гены занимают менее 5% их модели ДНК. Остальная часть генома включает в себя регуляторные участки, важные структурные части хромосом (теломеры и центромеры), а также огромное количество ДНК, назначение которой нам попросту непонятно. Из известных повторяющихся последовательностей (таких, как повторы Alu и ретроэлементы) состоит всего лишь 35% генома.[7] Нам известна удивительно малая часть генома, и это значит, что ученым предстоит провести еще много серьезных исследований, прежде чем геном человека полностью откроется нашему пониманию. Узнать последовательность азотистых оснований – это только начало.

Кроме уже высказанных философских соображений, геном человека открыл перед креационистами много волнующих тайн. Во-первых, различные этнические группы оказались более схожи между собой, чем изначально предполагали ученые. Сравнивая последовательность азотистых оснований с уже известными, установленными ранее последовательностями, ученые из корпорации «Celera» пришли к выводу, что в геноме расхождение между представителями различных рас составляет лишь 1 на 1250 нуклеотидов. Такие различия называют однонуклеотидным полиморфизмом (ОНП). Некоторые креационисты, несомненно, станут утверждать, что эти данные – доказательство Творения, описанного в Книге Бытия, и аргумент против расизма. Меня же низкая частота ОНП удивляет тем, что разные этнические группы оказываются *слишком* схожими. Зная частоту мутаций в наши дни, а также время, за которое человечество расселилось по Земле, и предполагая, что частота мутаций за это время не изменилась, мы считали, что изменчивость генома должна быть примерно вдвое выше. Это открытие ставит перед учеными-креационистами сложную и захватывающую задачу, решение которой, безусловно, позволит лучше понять процессы дивергенции организмов после Потопа.

Во-вторых, как и следовало ожидать, исходя из доли генов в геноме, только 1-4% ОНП приходится на последовательности азотистых оснований, образующие гены.[8,9] Таким образом, распространенное утверждение креационистов о том, что точечные мутации почти всегда имеют заметные негативные последствия, фактически неверно: 95% мутаций ОНП происходит в участках ДНК, не несущих информацию, и это никак (или почти никак) не сказывается на организме. Но, конечно же, в этой новости нет ничего хорошего и для сторонников теории эволюции: они были вынуждены признать, что ОНП не может быть источником генетического и биологического разнообразия. И сейчас приверженцы неодарвинизма изучают другие процессы – хромосомные перестройки (см. ниже), перенос генов и повторы нуклеотидных последовательностей, – которые могли бы оказаться «альтернативными» источниками мутаций.

В-третьих, ученые из корпорации «Celera» и проекта «Геном человека» отметили взаимозависимость расположения генов и повторов Alu. Где бы ни располагались гены, неподалеку от них можно найти повторы Alu. Не так давно, основываясь на тринадцати различных биологических фактах, я выдвинул предположение о причинно-следственной связи между повторяющимися последовательностями и быстрым образованием новых форм после Потопа.[10] Руководствуясь этой идеей, я предсказал, что в расположении повторов и важных для организма генов должна обнаружиться взаимозависимость. Таким образом, в геноме человека нашлись подтверждения моей теории образования новых форм организмов, и теперь наука располагает новыми важными фактами, которые позволят глубже понять механизмы изменений «бараминов» (сотворенных Богом родов).

В-четвертых, геном человека поражает своей сложной внутренней структурой. Исследователи из корпорации «Celera» и проекта «Геном человека» установили, что многие гены в нем повторяются, причем некоторые – многократно. Наличие внутригеномных повторов не было неожиданностью: такие повторения, хотя и в меньшем объеме, уже наблюдались в геноме растения *Arabidopsis*.[11] Удивило же всех открытие корпорацией «Celera»: 1077 блоков, состоящих из трех или более генов, повторяются едиными группами во всем геноме.[12] Эти блоки, обнаруженные в каждой хромосоме, содержат похожие гены и образуют очень сложную систему сходств. Еще предстоит узнать, чем именно они являются – воплощением замысла Творца или результатом исторических изменений в геноме, – однако эта «система сходств» определенно свидетельствует о модульном принципе строения живой материи, созданной Богом.

Определение последовательности азотистых оснований генома человека – впечатляющее достижение и достойное начало науки двадцать первого века. Разумеется, о завершении проекта «Геном человека» пока речь не идет, так как на большую часть загадок генома еще только предстоит пролить свет. Эти работы, несомненно, раскроют нам еще много тайн и чудес Творения.

Список литературы

1. Venter, J.C., and 272 others, "The Sequence of the Human Genome," Science 291(2001):1304-1351.

2. International Human Genome Sequencing Consortium, "Initial Sequencing and Analysis of the Human Genome," Nature 409(2001):860-921.

3. Там же.

4. Hattori, M., and 61 others, "The DNA Sequence of Human Chromosome 21," Nature 405 (2000):311-319.

5. Adams, M.D., and 194 others, "The Genome Sequence of Drosophila melanogaster" Science 287 (2000):2185-2195.

6. Li, W.-H. and D. Graur, Fundamentals of Molecular Evolution (Sunderland, MA: Sinauer Associates, Inc., 1991), p. 209.

7. См. 1.

8. См. 1.

9. The International SNP Map Working Group, "A Map of Human Genome Sequence Variation Containing 1.42 Million Single Nucleotide Polymorphisms," Nature 409(2001):928-933.

10. См. 1.

11. Wood, T.C., "The AGEing Process: Rapid Post-Flood Intrabaraminic Diversification Caused by Altruistic Genetic Elements (AGEs)," Origins (2001), submitted.

12. Arabidopsis Genome Initiative, "Analysis of the Genome Sequence of the Flowering Plant Arabidopsis thaliana" Nature 408(2000): 796-815.

Todd Charles Wood, Ph.D , The human genome: A creationist overview

Institute for Creation Research, Impact#334. Перевод Д. Маркова под ред. Е. Канищевой.

Христианский научно-апологетический центр, 2003. Буклет № 94

95011 Симферополь, ул.Севастопольская 30/7, ОС 11

При перепечатке ссылка обязательна